

FIGURE 208

CCCATCTCAAGCTGATCTGGCACTCTCATGCTCTGCTCTCTTCAACAGACCTCTACATTCATTTTGGGAAGA
 AGACTAAAAATGGTGTTCCTAATGTGGACACTGAAGAGACAAATCTTATCTCTTTTAACTAATCTCTAATTTTC
 AAATCTCTCTGGGCTAGATGTTTCTCTAAAACCTGCGCTGTGATGTCACTCTGGATGTTCCAAAGAACCATGTG
 ATCGTGGAGCTGCACAGACCAAGCATTTTGACAGAAATTCCTGGAGGTATTTCCACGGAACACCAAGAACCTCACCTC
 ACCATTTAAACCACTAACAGACATCTCCCGAGCTCTTTTACAGACTGGACCATCTGGTAGAGATCTGATTTACAG
 TGCACATGTGTACCTATTTCACATGGGGTCAAAAAACCAATGTGCATCAAGAGGCTGCGAGATTAAACCCAGAGAG
 TTTAGTGGACTCACTTATTTTAAAAATCCCTTTACCTGGATGGAAACAGCTACTAGAGATTACCGCAGGGCTCCCG
 CCTAGCTTACAGCTTCTCAGCTTGGAGGCCAACCAATCTTTTCCATCAGAAAAAGAGATCTAACAGAACTGGCC
 AACATAGAAATACCTTACCTGGGCCAAACCTGTATATATCGAAATCTTGTATGTTTCAATTTCAATAGAGAAA
 GATGCCCTTCTAACTTGAACAAAGTAAAGTGCTCTCCCTGAAAGATAACAATGTGCAGACCGCTCCCTACTGTT
 TGGCCTACTTTTAAACAGAACTATATCTCTACAAACAATGATTGCAAAAATCCAGAAGAGATGTTTAAATAAC
 CTCACCAATTAACAATTTCTGACCTAAGTGGAAATGGCCCTGTTGTTATAATGCCCCATTTCTTGTGCGCGG
 TGTAAAAATAATTTCTCCCTACAGACTCCCTGTAAATGCTTTTGTATGCGCTGACAGAAATTTAAAGTTTTCAGCTCA
 CACAGTAACTCTCTTACAGCATGTGCCCCAAGATGGTTTAAAGAACATCAACAACTCCAGGAACCTGGATCTGTCC
 CAAAATCTCTGGCCAAAGAAATGGGGATGCTAAATTTCTGCAATTTCTCCCCAGCTCATCCAATTGGATCTG
 TCTTTCAATTTTGAACCTTCAGGTCTATCGTGCACTATGAATCTATCAACAGCATTTTCTTCACTGAAAAGCCTG
 AAAATTTCTGCGGATCAGAGGATATGTCTTTAAAGAGTTGAAAAGCTTTAAACCTCTCGCCATTACATAATCTTCAA
 AATCTTGAAGTTCTTGATCTTGGCACTAACTTTATAAAAAATGCTTAACCTCAGCATGTTTAAACAAATTTAAAGA
 CTGAAAGTCATAGATCTTTTCAAGTGAATAAAATATCACTTCAAGGAGATTCAAGTGAAGTTGGCTTCTGCTCAAAT
 GCCAGAACTTCTGTAGAAAGTTATGAACCCAGGTCTTGGAAACAAATACATTTATTTTTCAGATATGATAAGTATGCA
 AGGAGTTGAGATTTCAAAAACAAAGAGGCTTCTTTTCTATGTCTGTTAATGAAGCTGCTCAAGATATGGGCAGACC
 TTGGATCTAAGTAAAAATAGTATATTTTGTCAAGTCTCTGATTTTTCAGCATTTTCTTCTCCTCAAAATGCGCT
 AATCTGTACAGAAATCTCATTAGCCAAACCTCTTAATGGCAGTGAATTTCAACCTTTAGCAGAGCTGAGATATTTG
 GACTTCTCTCAAACCCGGCTTGATTTTACTCCATTCACAGCATTTGAAGAGCTTCACAACTGGAAGTTCTGGAT
 ATAGCAGTAATAGCACTTATTTTCAATCAGAAGGAATTAATCATATGCTAACTTTTACCAAGAACCTAAAGGTT
 CTGCAGAACTCATGATGAACGACATGACATCTCTTCTCCACAGCAGGACCACTGGAGATGAGTCTCTTGA
 ACTCTGGAATTCAGAGGAATCACTAGATGTTTATTTGGAGAGAGGTTGATACAGATGATTTCAATTAATTCAG
 AATCTCTCAAAATTAAGGAATATAGACATCTCTAAAAATCCCTTAAGTTTCTGCTTCTGGAATTTTGTAGGT
 ATGCCCTGAAATTAAGAACTCTCTTCTTGGCCAAAAATGGGCTCAAACTTCTGAGTGGAGAACTCAAGTGT
 CTAAAGAACTCTGAAACTTTTGGACCTCAGCCACAACCAACTGACCACTGCTCCCTGAGAGATTATCCAACTGTGTT
 AGAAGCTCAGAACTTGATTTCTTAAGAAATCAAAATCAGGAGTCTGACGAGATTTTCTACAGATGCGCTTC
 CAGTTGCGATATCTGGATCTCAGCTCAAATAAAAATCCAGATGATCCTAAAGACCAAGCTTCCCGAAAAATGCTCCTC
 AACAACTCAGAGATGTGCTTTTGCATCAATACTGGTTTCTGTGCACTGTGATGCTGTGTGTTTGTCTGTGTGG
 GTTAAACCATACGAGGTTGACTATTCTTACCTGGCCAAGATGTGACTTGTGTGGGCCAGGAGCACACAGGGGC
 CAAAGTGTGATCTCCCTGAGATCTGTACACCTGTGAGTTAGATCTGACTAACTGATTTCTGTTCTCACTTTCCATA
 TCTGTATCTCTCTTCTCATGTTGATGATGACAGCAAGTCACCTCTAATTTCTGGGATGTGTGATATTTTACCAT
 TTCTGTAAAGCCAGATAAAGGGGTATCAGCGCTTAATATCACCAGACTGTGTGCTATGATGCTTTTATTTGTGAT
 GACACTAAAGACCCAGCTGTGACCGAGTGGGTTTGGCTGAGCTGGTGGCCAACTGGAAGACCCAGAGAGAAA
 CATTTTAAATTTATGTCTGAGGAAAGGGGACTGGTTTACAGGGGCGAGCAGTTCTGGAAACCTTTCCACAGAGATA
 CAGCTTGAAGTAAAGAGCAGTGTGTTGTGATGACAGCAAGTATGCAAGACTGAAAAATTTTAAAGATAGCATTTTAC
 TTGTTCCCATCAGAGGCTCATGGATGAAAAAGTTGATGTGATTTCTTGTGATATTTCTTGAAGACCCCTTTCAAGAG
 TCCAAGTTCTCCAGCTCCGGAAGAGGCTCTGTGGGAGTTCTGTCTTGAAGTGGCCCAACAAAGCCAGAGCTCAC
 CCACTACTTCTGCGAGTGTCTAAGAAACGCCCTGGGCCACAGACATCATGTGGCTATAGTCAAGTGTTCAGGAA
 ACGGTCTAGCCCTCTTTTGAACAAACAACTGCTAGTTTACCAAGGAGAGGCTGGC

09978295.101501

FIGURE 209

MVFPMWTLKRQILILFNIILISKLLGARWFPKTLPCDVTLDVPKNHVIVDCTDKHLTEIPGG
IPTNTNTNLTLTINHIPDISPASFHRLDHLVEIDFRNCVPIPLGSKNNMCIKRLQIKPRSFS
GLTYLKSLYLDGNQLLEBIPQGLPPSLQLLSLEANNIFSIRKENLTELANIEIILYLGQNCYYR
NPCYVSYSIEKDAFLNLTKLKVLSLKDNNVTAVPTVLPSTLTLEYLYNNMIAKIQEDDFNNL
NQLQILDLSGNCPRCYNAPFPACPKNNSPLQIPVNAFDALTELKVLRLHSNLSQHVPFRWF
KNINKLQELDLSQNFLAKEIGDAKFLHFLPSLIQLDLSFNLELQVYRASMNLSQAFSSLSKL
KILRIRGYVFKELKSFNLSPLHNLQNLEVLDLGTNFIKIANLSMFKQFKRLKVIDLSVNKIS
PSGDSSEVGFCSNARTSVESYEPQVLEQLHYFRYDKYARSCRFNKEASFMSVNESCYKYGQ
TLDLSKNSIFFVKSSDFQHLSFLKCLNLSGNLISQTLNGSEFQPLAELRYLDFSNNRLDLLH
STAFEELHKLEVLDISSNSHYFQSEGITHMLNFTKNLKVLOKLMMNDNDISSSTSRTMESES
LRTLEFRGNHLDVLWREGDNRYLQLFKNLLKLEELDISKNLSFLPSGVFDGMPPNLKNLSL
AKNGLKSFSWKKLQCLKNLETLDLSHNQLTTPERLSNCSRSCLKNLILKNNQIRSLTKYFLQ
DAFQLRYLDDLSSNKIQMIQKTSFPENVLNNLKMLLLHHNRFLCTCAVWVFVWVWNHTEVTIP
YLATDVTCVGPGAHKGQSVISLDLYTCELDLTNLILFSLISISVSLFLMVMMTASHLYFDWVW
YIYHFCKAKIKGYQRLISPDCCYDAFIVYDTKDPAVTEWVLAEVLAKLEDPREKHFNLCLEE
RDWLPGQPVLLENLSQSIQLSKKTVFVMTDKYAKTENFKIAFYLSHQRLMDEKVDVIIILIFLE
KPFQKSKFLQLRKRLCGSSVLEWPTNPQAHPYFWQCLKNALATDNHVAYSQVFKETV

Signal sequence:

amino acids 1-26

Transmembrane domain:

amino acids 840-860

13073225-104504